

1/6

**Figure 1 : Alignment of the BASB121 polynucleotide sequences.****Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.**

```
*           20           *
Seqid1 : ATGAAAATCCGAGTAAAGTGGCCTATGGTA : 30
Seqid3 : ..... : 30

           40           *           60
Seqid1 : ATGGCGATGGGGCTGGTTTTTAAGTGCCTGT : 60
Seqid3 : ..... : 60

           *           80           *
Seqid1 : CAAAGTACACCAATACCGCCTAAAAATAAT : 90
Seqid3 : ..... : 90

           100           *           120
Seqid1 : CCGCAATTGGCACAAATCCGAACCCAAATT : 120
Seqid3 : ..... : 120

           *           140           *
Seqid1 : GCAATCTCGCTACTGGACATGGGTAAGCTT : 150
Seqid3 : ..... : 150

           160           *           180
Seqid1 : GATCAAGCCAAACAGCAGTTGGATGCTGCT : 180
Seqid3 : ..... : 180

           *           200           *
```

2/6

Seqid1 : TTATCGGCTGATCGGCAGTTTGCACCTGCC : 210  
Seqid3 : ..... : 210

220 \* 240  
Seqid1 : TATCGCACCTTGGCAAAGGTTTATCAAGCT : 240  
Seqid3 : ..... : 240

\* 260 \*  
Seqid1 : TCGGAGGATGCCACTCACCAAACCAAAGCT : 270  
Seqid3 : ..... : 270

280 \* 300  
Seqid1 : CAACGCTTGTTTGAAAAGGCGATTGAACTA : 300  
Seqid3 : ..... : 300

\* 320 \*  
Seqid1 : AATCCTAAAGATATGCAAAGTTATATGGAT : 330  
Seqid3 : ..... : 330

340 \* 360  
Seqid1 : TATGGATTTTATTTGGTGCAGATGGGGGAC : 360  
Seqid3 : ..... : 360

\* 380 \*  
Seqid1 : TTGTCAGGTGCGTTGATTTATTTTGATAAA : 390  
Seqid3 : ..... : 390

3/6

400 \* 420  
Seqid1 : CCTAGCCGAGCCATCGGTTATGAAGGGCGT : 420  
Seqid3 : ..... : 420

\* 440 \*  
Seqid1 : GTGGTAGCCATCGAAAATATGGCATATATT : 450  
Seqid3 : ..... : 450

460 \* 480  
Seqid1 : TATTATCATCAATATGAAGCTGCCAAATCA : 480  
Seqid3 : ..... : 480

\* 500 \*  
Seqid1 : CCAACAAAAGATGACTATAATAACGCCAAA : 510  
Seqid3 : ..... : 510

520 \* 540  
Seqid1 : TCAGCACTTGAGCGTGCGTTAATTCAGGC : 540  
Seqid3 : ..... : 540

\* 560 \*  
Seqid1 : ACTCAACATGATGAAATCAAAAAGTCTTAT : 570  
Seqid3 : ..... : 570

580 \* 600  
Seqid1 : GACAAATTATTAAGTGATTATAAATTATTA : 600  
Seqid3 : ..... : 600

WO 01/09330

PCT/EP00/07281

4/6

\*

Seqid1 : AGTGATTATAAATAG : 615

Seqid3 : .....--- : 612

5/6

**Figure 2 : Alignment of the BASB121 polypeptide sequences.****Identity t SeqID No:2 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.**

Seqid2 : MKIRVKWPMVMAMGLVLSACQSTPIPPKNN : 30  
Seqid4 : ..... : 30

40 \* 60  
Seqid2 : PQLAQIRTQIAISLLDMGKLDQAKQQLDAA : 60  
Seqid4 : ..... : 60

\* 80 \*  
Seqid2 : LSADRQFAPAYRTLAKVYQASEDATHQTKA : 90  
Seqid4 : ..... : 90

100 \* 120  
Seqid2 : QRLF EKAI ELNPKDMQSYMDYGFYLVQMGD : 120  
Seqid4 : ..... : 120

\* 140 \*  
Seqid2 : LSGALIYFDKPSRAIGYEGRVVAIENMAYI : 150  
Seqid4 : ..... : 150

160 \* 180  
Seqid2 : YYHQYEAAKSPTKDDYNNAKSALERALISG : 180  
Seqid4 : ..... : 180

\* 200  
Seqid2 : TQHDEIKKSYDKLLSDYKLLSDYK : 20  
Seqid4 : ..... : 204

**Figure 3-A : Coomassie stained SDS-polyacrylamide gel of purified BASB121**

**Figure 3-B: Western-blotting of purified BASB121 (anti-His antibody).**

Fig. 3-A

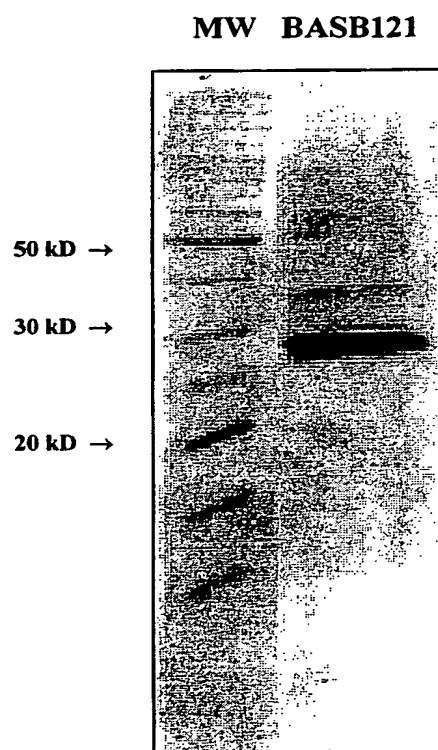


Fig. 3-B

